

Comprehensive Tumor Profiling



Aktualisierung unseres CTP TUM Panels

Durch regelmäßige Aktualisierungen unseres CTP TUM Panels beziehen wir die neuesten wissenschaftlichen Erkenntnisse und medizinischen Ergebnisse mit ein, um Ihre Forschung auf dem aktuellen Stand zu halten. Mit der aktuellen Version des CTP TUM Panels wurde die Anzahl der analysierten Krebs-assoziierten Gene von circa 760 auf über 780 Gene erhöht. Unter den neu hinzugefügten Genen sind auch die pharmakogenetisch-relevanten Gene CACNA1S und NUDT15, die eine wichtige Rolle in der Narkose-induzierten malignen Hyperthermie beziehungsweise der medikamenteninduzierten Myelosuppression spielen. Zusätzlich wurde die Anzahl der therapierelevanten Fusionen, die mit einer hohen Sequenziertiefe untersucht werden, von 31 auf 39 erhöht.

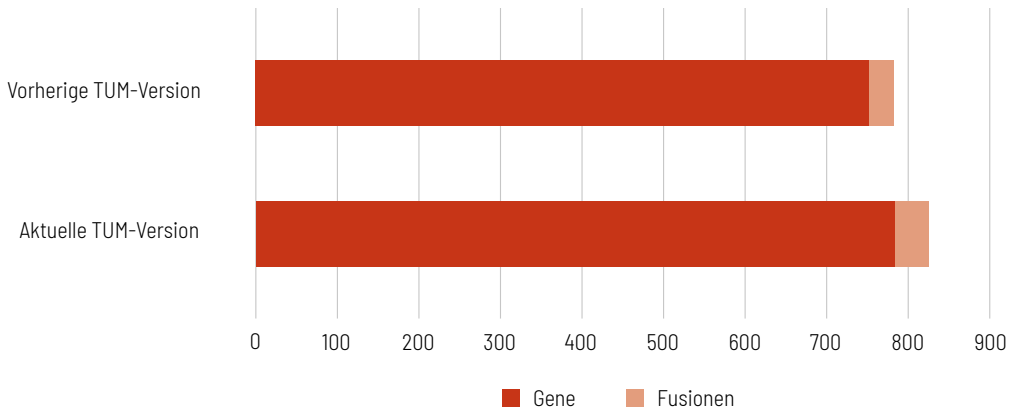


Abbildung 11 Vergleich der Vorgängerversion mit der aktuellen Version des CTP TUM Panels. Mit der Aktualisierung unseres CTP TUM Panels erhöht sich sowohl die Anzahl der analysierten Krebs-assoziierten Gene als auch die Anzahl der therapierelevanten Fusionen.



Möchten Sie mehr erfahren?

Für weitere Informationen besuchen Sie unsere Website.

www.cegat.de/comprehensive-tumor-profiling